

11. 昆虫医科学部

部長 葛西 真治

概要

昆虫医科学部は、感染症の伝播等、人に害を与える節足動物を対象とした基礎的研究・調査に加え、これら衛生害虫等の防除に寄与する情報収集と提供、講義・研修等による社会への貢献に努めている。令和2年度の研究及び業務の概要は以下の通りである。

気候変動に伴い、ヒトスジシマカの生息域が徐々に北上している。定着条件を満たすと思われる北海道道南地域で引き続き調査を行ったが、本種の生息は確認されなかった。ヒトスジシマカの吸血活動開始時期の予測や気候との関連を探る目的で全国40か所で初見日を調査した。ヒトスジシマカの超高精細バーコード解析(SNPs解析)を行い、国内集団の遺伝子構成を調べた。日本産ニクバエ科のDNAバーコード解析を行い、多種ニクバエの分子同定を可能にするのと同時に、一部隠蔽種(認識されていない新種)の可能性を見出した。北陸2県の渡り鳥飛来地やSFTS発生地においてマダニ採集を行い、マダニが保有するウイルス・吸血源動物調査および渡り鳥によるウイルスの越境の可能性を検討した。日本脳炎媒介蚊コガタアカイエカにおいては、大陸型コガタアカイエカの国内での発生动態を明らかにする目的で、長崎県諫早市と五島市において調査を行った。フンコバエ類を含む無弁翅ハエ類の分類学的、生態学的情報の蓄積に務め、ニセミギワフンコバエを我が国から初めて記録した。レファレンス業務として5件の衛生害虫類の同定依頼に対応した。

コガタアカイエカ971個体より、3株の日本脳炎ウイルスを分離し、依然として国内に日本脳炎ウイルス(JEV)の感染サイクルが維持されていることを明らかにした。ヤマトヤブカを用いて3つの遺伝子型のJEVの感染実験を行ったところ、いずれの型も媒介可能であることが示された。次世代シーケンサーを用いたウイルスその他微生物等遺伝子の網羅的解析を行った結果、キチマダニやヤマトアブからトリパノソーマ原虫の遺伝子を検出し、ツバメヒメダニより新規ニヤウイルスSekira virusを、キンイロヌマカからブニヤウイルス、オルソミクソウイルスを検出するとともに、新規の昆虫特異的フラビウイルスの分離に成功した。また、ハエ目短角亜目から初めてのフラビウイルスとなるTabanus rufidens flavivirusをアブ類より

検出した。6種の培養細胞から4種の新規ウイルスを含む15種類の潜在感染ウイルスを検出し、より効率的な病原ウイルスの分離・検出法確立への応用が期待された。日本でのジカウイルス(ZIKV)流行に備え、国内産ヒトスジシマカを用いたZIKV感染実験系を確立した。また、獲得免疫機構を利用して、野外蚊のZIKV感染履歴を評価する手法確立の足掛かりとなるデータを集積した。蚊におけるフラビウイルス感受性機構解明を目的とし、ガーナ産ネッタシマカ胚子より安定培養が可能な細胞系を樹立した。

東南アジア産ネッタシマカの遺伝子解析で、超強力な殺虫剤抵抗性をもたらすアレルが局地的に高頻度で分布している実態を明らかにした。成田空港に侵入したネッタシマカが強い殺虫剤抵抗性を示し、抵抗性遺伝子を保有していることを明らかにした。トコジラミの変異型アセチルコリンエステラーゼ(AChE)は有機リン剤への感受性は低下する一方で、AChE本来の能力は低下している可能性を明らかにした。ヒトスジシマカに対する殺虫剤の野外効力試験では、ピレスロイド剤乳剤の高い防除効果を確認した。シトクロムP450酸化酵素であるCYP6BB2の遺伝子をノックアウトしたネッタシマカ系統では、ペルメトリン感受性が低下することを確認した。首都圏のとある家屋では、庭先で捕集される蚊の89%がアカイエカであるにも関わらず屋内では88%がチカイエカであったことから、チカイエカの屋内侵入性およびヒト親和性の高さがデータによって強く裏付けられた。

人事面では、当該部の正規職員6名(葛西真治、伊澤晴彦、比嘉由紀子、佐々木年則、駒形修(薬剤耐性研究センターとの併任)、前川芳秀)に加え、感染研ポスドク枠として小林大介、再任用職員として富田隆史、林利彦、澤邊京子(安全実験管理部との併任)、非常勤職員として古谷章悟、研究生としてMichael Amoa-Bosompem, Faustus Akakperiwen Azerigyik(いずれも東京医科歯科大院), Astri Nur Faizah(東大院)、岩田基晃(筑波大院)、実習生として松村凌、甲斐泉、草苺咲季(いずれも明治大)、臨時職員として古城一美、高岡安希、加藤知華、廣中和江、黒木章弘、谷口ひとみほか、客員研究員および協力研究員の協力により業務・研究を遂行した。

業績

調査・研究

1. 衛生昆虫の分布および媒介生態に関する調査・研究

1. 長崎県北部における媒介蚊調査

2020年8月に長崎県大村市および多良岳周辺で蚊の幼虫・成虫採集を行った。ドライイストラップでは4属10種109個体、8分間捕虫網採集では5属8種137個体を得た。ドライイストラップで最も多かったのは、ヒトスジシマカ、次いでヤマダシマカであった。また希少種のコガタキンイロヤブカを1個体採集した。8分間捕虫網採集でのヒトスジシマカの平均採集密度は、雌4個体/8分/回であった。幼虫採集では、6属6種103個体を採集し、採集数が多かったのはヒトスジシマカであった。次いでキンバラナガハシカとフタクロホシビカであった。コガタキンイロヤブカ他数種類を遺伝子解析用試料として冷凍保存した。[前川芳秀]

2. 新宿区定点における疾病媒介蚊の発生モニタリング調査

都市域に発生する疾病媒介蚊の種類相、生息密度、季節消長を監視することを主目的として、感染研構内の2ヶ所(地上1.5mと樹上7.5m)に週1回ドライイストラップを設置して成虫の採集を行った。2020年1-12月までの期間中、2属5種、782個体が採集された。優占種はデング熱媒介蚊として重要なヒトスジシマカとウエストナイル熱の潜在的な媒介蚊のアカイエカ種群の2種で、採集総数の98.7%を占めた。ヒトスジシマカは7-9月にかけて密度が高く、最高45個体/日であった。アカイエカ種群は6月上旬から10月まで増減を繰り返しながら発生していた。2018年以降、密度が減少傾向にあり、採集地の環境変化の影響が考えられた。[比嘉由紀子, 谷口ひとみ, 前川芳秀]

3. 日本型および大陸型コガタアカイエカの発生動態

春先に初めて確認されるコガタアカイエカ集団を採集し、各型の発生動態を明らかにすることを目的とし2020年3月中・下旬と4月に長崎県五島市および諫早市の豚舎において採集を行った。3月中旬はまだ気温が低くコガタアカイエカ成虫密度は低いものの、五島市で2個体、諫早市で1個体採集された。3月下旬は五島市では採集されなかった。一方諫早市では94個体採集された。4月は諫早市で156個体採集された。新型コロナウイルス感染症の影響で4月の五島市での調査は行われなかった。得られたサンプルはナミカ亜科Culicinaeの蚊に汎用的に開発されたハイブリダイゼーションプローブを用い日本型、大陸型、ハイブリッド型を調べる

予定である。[比嘉由紀子, 前川芳秀; 二見恭子, 砂原俊彦(長崎大学熱帯医学研究所)]

4. ヒトスジシマカの分布北限に関する研究

2020年8月末に北海道函館市の緑地、公園、教育関連施設、寺社、鉄道・港湾施設などで8分間人囀捕虫網採集と幼虫採集を行った。成虫採集では、2属4種51個体を採集し、ヤマトヤブカが最も多かった。幼虫採集では、イエカ属、ハマダラカ属、ヤブカ属の3属3種を確認し、アカイエカ種群が大量に発生しているのを確認した。成虫採集と幼虫採集とも、ヒトスジシマカは採集できなかった。引き続き監視を続け、定点での蚊相や密度を蓄積する一方で、郊外の蚊相調査も行い、比較検証を行う必要があると考えられた。[前川芳秀, 澤邊京子, 比嘉由紀子]

5. ヒトスジシマカ初見日調査

2020年4-6月にかけて岩手県盛岡市から鹿児島県鹿児島市にいたる全国40地点で、全国の調査協力者とともにヒトスジシマカの吸血活動初見日調査を行った。最も早く吸血活動が確認されたのが鹿児島市の4月25日、遅かったのが盛岡市の6月5日で、緯度との相関が認められ、ヒトスジシマカの初見日予測には気温が重要な要因であることが示唆された。2017年の先行研究によって得られた予測モデル(3月1日以降初見日が確認される前日までの日平均気温)によって吸血初見日予測が可能であった10地点で誤差がみられたが、地理的な相関はみられなかった。3月以降の気温に加え、他の要因もヒトスジシマカの吸血活動初見日に影響していることが示唆された。[比嘉由紀子, 葛西真治, 伊澤晴彦, 高岡安希, 前川芳秀, 斎藤一三, 小林陸生, 二瓶直子, 古谷章悟, 渡辺護; 井上健(佐賀); 大塚靖(鹿児島大学); 大橋真(滋賀); 小川直美(山形); 荻野和正(産業医科大学); 金山彰宏(有生研); 金京純(鳥取大学); 佐々木均(有生研); 佐藤卓(岩手県環境保健研究センター); 佐藤英毅(有生研); 平健介(神奈川); 田原雄一郎(有生研); 中野敬一(有生研); 中村哲(広島); 秦和寿(有生研); 平林公男(信州大学); 藤田龍介(九州大学); 二見恭子(長崎大学); 武藤敦彦(日本環境衛生センター); 元木貢(有生研); 横山雄子(高知); 吉田政弘(大阪); 米島万由子(熊本大学)]

6. ヒトスジシマカの出身地推定

ナミカ亜科Culicinaeの蚊に汎用的に開発されたハイブリダイゼーションプローブを用い、ヒトスジシマカの出身地推定

の可能性を検討した。このプローブセットは NGS ライブラリから蚊の種類を問わず約 3,000 箇所 of 標的ゲノム領域を濃縮することができ、集団遺伝学や量的形質遺伝子座 (QTL) 解析に有用な SNPs 遺伝子型の情報を得ることが可能である。開発したプローブセットを用いて国内外で得られたヒトスジシマカでクラスタリングを試みたところ、国内のヒトスジシマカ集団は、大きく沖縄県ほか九州各地、それ以外の全国の集団に分かれた。また、ベトナムやインドネシアの個体とも大きく分かれており、本方法によって出身地推定が可能であると考えられた。[比嘉由紀子, 前川芳秀, 葛西真治, 高岡安希; 糸川健太郎 (病原体ゲノム解析研究センター)]

7. マダニの吸血源動物種の特定

ダニ媒介感染症の自然界での感染環を知る上で、マダニの宿主動物を知ることは重要な情報となる。これまで、動物由来血液を高感度に検出する Reverse line blot hybridization (RLB) 法に対し、本邦産動物種を検出する特異的 probe を作製するなど改良を進めた結果、哺乳類 18 種と鳥類 15 種の検出が可能になった。国内の主要な哺乳動物は概ね検出できると思われるが、渡り鳥を含む鳥類の種類は非常に多いため、本法での検出には限界があることが示唆された。そこで本年度は、RLB 法および次世代シーケンス (NGS) 解析を併用する系での検出法を検討した。現在までに 48 検体が陽性反応を示したため、次いでそれらを NGS 解析に供し、動物種特異的な配列を検出する予定である。[谷口ひとみ, 比嘉由紀子, 伊澤晴彦, 渡辺護, 澤邊京子]

8. SFTS および Oz ウイルス等ダニ媒介性ウイルスの感染環解明に資する野鼠類生息調査

2014 年愛媛県大洲市で採集されたタカサゴキララマダニからオルソミクソウイルス科トウゴトウイルス属の新規ウイルス (Oz ウイルスと命名) が分離された。そこで、本地域に浸透する SFTS および Oz ウイルスを主な対象とし、これらダニ媒介性ウイルスの自然界での感染環を解明するために、両ウイルスの保有宿主と考えられる野鼠類の生息調査ならびにそれらからのウイルス検出を行った。2016 年 5 月から 2020 年 10 月までに合計で 76 頭の野鼠類 (アカネズミ 63 頭, ヒメネズミ 10 頭, その他 3 頭) を捕獲し、寄生マダニ類 (mite およびツツガムシ等を含む) 1,000 頭以上を採集した。ヤマアラシチマダニ若虫が最も多く寄生していたが、本種を含む寄生マダニ類からウイルスは検出されなかった。[小林大介, 伊澤晴彦, 澤邊京子; 前田健 (獣医科学部); 米満研三 (山口大); 鉦田龍星 (岡山理科大); 木村俊也 (愛媛県食肉検査研究センター); 下田宙 (山口大)]

9. SFTS 感染ネコの周辺環境におけるマダニ相調査ならびに殺虫剤によるマダニ駆除

2019 年の SFTS を発症した飼いネコの事例において、飼い主を含む周辺住民の健康被害が危惧されたことから、当該地域のマダニ相調査及び殺虫剤によるマダニ駆除を行った。2019 年 6 月から 2020 年 6 月までの植生マダニ調査の結果、3 属 6 種 3,325 頭のマダニが採集され、タカサゴチマダニとキチマダニが優占種であることが判明した。2019 年 11 月にピレスロイド剤の炭酸ガス製剤とプロペタンホス MC 剤によるマダニ駆除を行い、処理後約半年間、両薬剤の併用区では比較的長期間マダニ密度が低く維持されたことが明らかになった。今後もネコ等の伴侶動物が罹患し、ヒトへの感染が危惧される事例は起り得ることから、有効なマダニ対策を検討し、備える必要があることを提言した。[小林大介, 伊澤晴彦, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 葛西真治, 林利彦, 澤邊京子; 木村俊也 (愛媛県食肉検査研究センター); 鉦田龍星 (岡山理科大); 南博文 (南動物病院); 五十嵐真人 (日本防疫殺虫剤協会)]

10. 日本産ニクバエ科の DNA バーコーディング

研究者人口の減少により衛生動物の種同定ができる人材育成が厳しくなっている。多くの研究者に受け入れられやすい DNA バーコーディングによる種同定を行うデータベース構築を目的として、日本産ニクバエ科 36 種 76 個体のミトコンドリア COI 領域を対象とした DNA バーコード解析を行った。その結果、基本的に形態分類に一致する系統樹が作成され、遺伝的距離は多くの種で 4.42~13.68%, 近縁種で 0.92~1.69% で (欧米における先行研究によると種間変異は 2.8% とされる), COI バーコード領域を利用した種同定が十分に可能であることが示された。また、ツシマニクバエにおいては隠蔽種の存在が示唆された。[岩田基晃, 比嘉由紀子, 倉橋弘, 葛西真治, 澤邊京子; 戒能洋一 (筑波大学); 大宮正也, 柿沼進 (国際双翅類研究所)]

11. 無弁翅ハエ類の分類学のおよび分布に関する研究

日本から初めてニセミギワフンコバエ (*Pseudocollinella Digna*) を記録した。本種はブルガリア産 1♂ で記載され、その後どこからも記録されてこなかった。台湾から記載された *P. simplicisternum* は本種の同物異名であることが判明した。日本や台湾では比較的多く見られ、その他の地で記録がないことから本種は本来東アジアの種であり、ブルガリアには何らかの理由で移入された個体が記載されたのではないかと思われる。[林利彦]

II. 衛生昆虫からの病原体の分離と検出, および媒介生理に関する研究

1. 長崎県におけるコガタアカイエカの日本脳炎ウイルス保有実態調査

国内における日本脳炎ウイルス媒介蚊の日本脳炎ウイルス保有状況や、流行しているウイルス株の遺伝子型を把握するため、2019年8月下旬に長崎県内の畜舎において採集された971頭(39プール)のコガタアカイエカから、日本脳炎ウイルスの分離を試みた。その結果、3株の日本脳炎ウイルスが分離された。エンベロープタンパク質の塩基配列に基づいた遺伝子型の同定および分子系統解析を行ったところ、全ての分離株は遺伝子型Iと判明し、2018年に同所で分離された株とクラスターを形成した。これらの結果から、国内では日本脳炎ウイルスの感染サイクルが維持されており、依然として感染リスクが存在することが示された。[松村凌, 小林大介, Astri Nur Faizah, Michael Amoa-Bosompem, 伊澤晴彦, 佐々木年則, 比嘉由紀子, 津田良夫, 前川芳秀, 澤邊京子; 二見恭子, 森本康愛, 砂原俊彦, 皆川昇(長崎大学熱帯医学研究所); 松本文昭, 浦川美穂, 三浦佳奈, 山下綾香, 小嶋裕子, 吉川亮(長崎県環境保健研究センター); 藤田龍介(九州大)]

2. ヤマトアブから検出された新規フラビウイルスの配列解析

アブ類が媒介するアルボウイルスについてはこれまで報告がなく、またアブ類が保有するその他のRNAウイルスについてもほとんど知見がない。本研究では、石川県で捕集されたヤマトアブの保有ウイルス調査の過程において検出された新規フラビウイルスの配列解析を実施した。ゲノムにコードされるウイルス遺伝子の比較解析と分子系統解析の結果、本ウイルスは昆虫特異的フラビウイルスに近縁な新規ウイルスであることが示唆され、*Tabanus rufidens flavivirus* と命名した。ハエ目短角亜目からのフラビウイルスの検出は、本研究が世界で初めての事例となり、フラビウイルスの系統進化に関しての重要な新知見となった。[小林大介, 渡辺護, Astri Nur Faizah, Michael Amoa-Bosompem, 比嘉由紀子, 澤邊京子, 伊澤晴彦]

3. 吸血性節足動物からのトリパノソーマ原虫の検出

吸血性節足動物の吸血生態の理解を目的として、住血原虫を指標とした吸血源動物推定法の確立を試みた。石川県で採集されたキチマダニおよびヤマトアブからトリパノソーマ

原虫様の配列が検出され、それら配列の分子系統解析を実施した結果、キチマダニ由来のものはイヌ科動物に感染する原虫種、一方でヤマトアブから検出されたものはウシに感染する原虫種と近縁であることが判明した。そのため、これらのトリパノソーマ原虫が検出された節足動物は、原虫種の宿主である各種の哺乳動物を吸血源動物として利用していることが推察された。[小林大介, 渡辺護, Astri Nur Faizah, Michael Amoa-Bosompem, 比嘉由紀子, 澤邊京子, 伊澤晴彦]

4. ツバメヒメダニから検出された新規ニャウイルスの配列解析

ヒメダニ類は様々なアルボウイルスを媒介することが知られている。我が国におけるヒメダニ類媒介ウイルスとしては、岩手県採集のクチビルカズキダニから分離された *Midway virus* の存在が知られるのみである。本研究では、国内に分布するヒメダニ類の保有するウイルスを調査することを目的として、静岡県三島市で採集されたツバメヒメダニを対象にウイルスの網羅的解析を行った。その結果、ニャウイルス属の新規ウイルスを検出し、*Sekira virus* (SEKRV) と命名した。SEKRVは既知のニャウイルスとは異なり、ウイルス糖タンパク質やマトリックスタンパク質遺伝子を欠くユニークな特徴を持つことも判明した。[小林大介, Astri Nur Faizah, Michael Amoa-Bosompem, 澤邊京子, 伊澤晴彦; 小松謙之(シー・アイ・シー)]

5. キンイロヌマカの保有するRNAウイルス叢の解析

蚊やマダニなどが媒介するウイルスの感染リスクを把握するためには、これら吸血性節足動物が保有するウイルスの実態を明らかにすることが重要である。本研究では、石川県で採集されたキンイロヌマカの保有するRNAウイルス叢を明らかにすることを目的として、次世代シーケンサーを用いたRNAウイルスの網羅的な探索および、虫体からのウイルス分離を試みた。その結果、ブニャウイルス、オルソミクソウイルス、フラビウイルス様配列が検出された。さらに、新規の昆虫特異的フラビウイルスの分離に成功した。現在、これら検出されたウイルスの詳細な解析を実施している。[松村凌, 小林大介, 渡辺護, 比嘉由紀子, 澤邊京子, 伊澤晴彦; 糸山享(明治大)]

6. 衛生害虫由来培養細胞に潜在感染するウイルスの探索と同定

蚊やマダニ、ハエ由来の培養細胞株は、それら節足動物が媒介する病原体の分離や詳しい性状解析を実施する上で、重要な研究ツールとなっている。これまでに我々は、ヒトシマカ由来 C6/36 細胞に持続感染している 2 種類の昆虫特異的ウイルスを見出し、これらがデングウイルスやジカウイルス、日本脳炎ウイルスの増殖を顕著に抑制することを報告した。本研究では、種々の衛生害虫由来培養細胞における潜在感染ウイルスの探索を目的とした網羅的ウイルス解析を行った。その結果、既存の 6 種類の培養細胞から 4 種の新規ウイルスを含む 15 種類のウイルスが検出された。現在、これら新規ウイルスについての詳しい遺伝子解析を行っている。[松村凌, 小林大介, Astri Nur Faizah, 伊澤晴彦; 糸山享(明治大)]

7. 日本産コガタアカイエカおよびヤマトヤブカの日本脳炎ウイルス媒介能評価

日本脳炎ウイルス(JEV)は、エンベロープ遺伝子配列に基づき、5 つの遺伝子型に分類される。我が国では現在、I 型が優占的に流行している。しかしながら近年、近隣国において V 型の流行が散発的に報告されており、JEV 主要媒介蚊であるコガタアカイエカ以外の蚊種からの検出事例が多数報告されている。本研究では、本邦産コガタアカイエカとヤマトヤブカの実験室系統を用いた JEV 遺伝子型 I, III, V 型の感染実験を行い、ウイルス媒介効率の比較を実施した。その結果、これらの蚊は全ての遺伝子型を媒介可能であることが示され、とりわけコガタアカイエカにおいては、全ての遺伝子型を効率的に媒介できることが示された。[Astri Nur Faizah, 小林大介, Michael Amoa-Bosompem, 澤邊京子, 伊澤晴彦]

8. 国内産ヒトシマカを用いたジカウイルス感染実験系の確立

2015 年に南米を中心にアウトブレイクしたジカウイルス感染症に関して、今後国内での感染流行が発生する可能性も想定されることから、国内に生息する蚊のジカウイルス感受性と媒介能について把握しておく必要がある。本研究では、神奈川県海老名市で 2018 年 8 月に採取されたヒトシマカ系統を用い、ジカウイルスの感染実験系の確立を試みた。その結果、唾液中にジカウイルスが検出され、国内産ヒトシマカでジカウイルス感染実験系を確立することができた。[佐々木年則, 小林大介, 斎藤一三, 伊澤晴彦, 澤邊京子; 林昌宏(ウイルス第一部); 高崎智彦(神奈川県衛生研究所); 皆川昇(長崎大学熱帯医学研究所)]

9. 蚊でのジカウイルス感染履歴評価の試み

調査地における過去のジカウイルス感染・流行状況を把握する目的で、最近明らかになってきている蚊の獲得免疫機構を指標とした感染履歴の評価系確立を試みた。蚊の培養細胞にジカウイルスを感染させると 7 日から 10 日後にジカウイルス由来の vDNA を検出することができた。この検出系を用いて、調査地で採取された蚊からジカウイルス由来 vDNA を検出することを試みている。[佐々木年則, 小林大介, 斎藤一三, 伊澤晴彦, 澤邊京子; 林昌宏(ウイルス第一部); 高崎智彦(神奈川県衛生研究所); 皆川昇(長崎大学熱帯医学研究所)]

10. ガーナ産ネッタイシマカ由来新規培養細胞系の樹立

蚊由来培養細胞は、蚊媒介性ウイルス研究において必要不可欠なツールとなっている。今回、デングウイルスやジカウイルス、黄熱ウイルスの研究に有用な新規ネッタイシマカ由来細胞系の樹立を試みた。2016 年にガーナ共和国北部で採集されたネッタイシマカを起源とする飼育系統(GH98)の胚子を用いて初代培養を行った。培養液には VP-12 培地(牛胎児血清添加)を用い、適宜更新を行いながら培養を続けたところ、付着性細胞の顕著な増殖が確認されるようになった。さらに split ratio 1:8 程度で継代を繰り返した結果、安定した維持培養が可能となった。現在、各種ウイルスに対する感受性について調査している。[Michael Amoa-Bosompem, 小林大介, Astri Nur Faizah, 伊澤晴彦; 鉄田龍星(岡山理大); 糸川健太郎(病原体ゲノム解析研究センター); 岩永史朗(東京医科歯科大)]

III. 衛生害虫の防除、殺虫剤抵抗性のモニタリング、遺伝学的・分子生物学的解析

1. 東南アジアで採集したネッタイシマカの VGSC のアレル解析

VGSC はピレスロイド剤の作用点である。ベトナム産 278 個体について VGSC のアミノ酸変異の解析を行い、ホモ型で確認できた 80 検体から 5 つの変異型 C, WC, FWI, FTW, FTWC の存在を明らかにするとともに、FTW 型が最も高頻度(約 70%)で存在していることを明らかにした。また、カンボジアのプノンペンで採集された集団では、最もピレスロイド抵抗性レベルが高い FTWC 型が 63%を占めており、デング熱媒介蚊防除が困難な現状を明らかにした。[高岡安希, 古谷章悟, 駒形修, 富田隆史, 葛西真治; 糸川健太郎(病原体ゲノム解析研究センター)]

2. ブラジル・マラカナンで採集したネッタイシマカから見出された、ピレスロイド剤抵抗性に関与する新たな VGSC 変異

2016年にブラジル・リオデジャネイロ州マラカナンで採集したネッタイシマカの殺虫剤抵抗性集団を用いて殺虫剤抵抗性の要因を解析した。ピレスロイド系殺虫剤の標的である VGSC 遺伝子が 2 型含まれていることを明らかにし、これらの遺伝子型をもとに 2 系統(MCNaeg-LIC と MCNaeg-C)を分離した。次世代シーケンサー解析によるコード領域全長解読の結果、MCNaeg-LIC は V410L, S723T, V1016I, F1534C を有し、MCNaeg-C 系統は V253F, M374I, G923S, F1534C を有していることが判明した。両系統はピレスロイド剤に同程度の強い抵抗性を示した。これらのうち、V253F のアミノ酸変異は VGSC における第 2 のピレスロイド受容体(PyR2)の領域に位置していた。[古谷章悟, 高岡安希, 駒形修, 富田隆史, 葛西真治; 糸川健太郎(病原体ゲノム解析研究センター)]

3. ピレスロイド系殺虫剤抵抗性ネッタイシマカの解毒に関わる責任遺伝子へのアプローチ

ネッタイシマカのピレスロイド剤抵抗性に関与する解毒代謝系の因子を特定するために、共力剤 PBO の共力効果が高い FTWC 系統を感受性系統 SMK と掛け合わせた。5 世代交配後に、VGSC 変異の有無で選抜し、作用点変異の抵抗性遺伝子 *kdr* を持たず、かつ解毒代謝酵素シトクロム P450 による抵抗性機構を有する系統 WC-cSMK を作製した。[古谷章悟, 高岡安希, 駒形修, 富田隆史, 葛西真治; 糸川健太郎(病原体ゲノム解析研究センター)]

4. 成田国際空港で採集されたネッタイシマカの殺虫剤抵抗性及び抵抗性機構

2013 年と 2015 年に成田国際空港で採集されたネッタイシマカの子孫集団(NRT13, NRT15)のピレスロイド剤感受性を調べた。NRT13 と NRT15 のペルメトリンに対する抵抗性比は 64.9 倍と 28.6 倍であり、共力剤の効果も認められたことから代謝機構も有していることを明らかにした。両系統とも作用点 VGSC のアミノ酸変異が認められた。カルボキシルエステラーゼ(CE)を電気泳動により分離し活性染色した結果、両系統と感受性標準系統の間に明確な差は認められなかったため、CE の抵抗性への関与の可能性は低いと考察された。[草苺咲季, 駒形修, 富田隆史, 葛西真治; 糸山享(明治大学)]

5. 変異型アセチルコリンエステラーゼをもつネッタイトコジラミのメトキサジアゾン感受性の低下

私たちはこれまでに、ネッタイトコジラミで見つかったアセチルコリンエステラーゼ(AChE)の変異 F348Y が有機リン・カーバメート系殺虫剤の抵抗性をもたらすことを明らかにしている。2016年に那覇市で採集され、野生型と変異型の AChE が混在しているネッタイトコジラミの 2 コロニーを用いて、メトキサジアゾンの殺虫試験を局所施用法で行った。また、Y348 の保有とメトキサジアゾン感受性の間に相関があるか調べた。その結果、変異保有個体に有意な感受性の低下が認められた。[富田隆史, 皆川恵子((一財)日本環境衛生センター), 小松謙之((株)シー・アイ・シー), 駒形修, 葛西真治]

6. 有機リン・カーバメート系抵抗性トコジラミの F348Y 変異型アセチルコリンエステラーゼ(AChE)の性質変化

抵抗性トコジラミから見いだされた変異型 AChE に関して、この変異が酵素の本来の性質にもたらす影響について調べた。野生型 F348(感受性)、変異型 Y348(抵抗性)の AChE はいずれもブチリルチオコリンを分解しなかった。これはこれまで昆虫の AChE の一般的な性質として認識されてきたことに矛盾しなかった。一方、変異型、野生型 AChE はアセチルチオコリンとプロピオニルチオコリンを共に分解したが、変異型では親和性、活性がいずれも低かった。変異型 AChE は殺虫剤(活性体)による阻害は受けにくく抵抗性に貢献するものの、基質を分解するという本酵素本来の能力が低下していることが示された。[駒形修, 富田隆史, 葛西真治; 糸川健太郎(病原体ゲノム解析研究センター)]

7. 東京2020オリンピック・パラリンピック開催に向けたデング熱媒介蚊ヒトスジシマカ対策の検討

東京 2020 オリンピック・パラリンピック開催に備え、2016 年以降、合計 12 薬剤と 7 散布機を組み合わせ様々な場面を想定した野外での殺虫試験を行ってきた。2020 年は、9 月に埼玉県内の総合公園において、ペルメトリン 5%乳剤を車載式動力噴霧器、およびペルメトリン 5%ULV 乳剤を、海外製 ULV 散布機を用いてそれぞれ散布し、ヒトスジシマカ成虫への効力評価を行った。その結果、いずれの処理区においてもヒトスジシマカが効率よく駆除されたことが確認された。また、各薬剤と散布機器の利点・欠点などの貴重な情報や、教育ビデオ用の動画資料も収集・蓄積することができた。[葛西真治, 駒形修, 古谷章悟, 澤邊京子; 皆川恵子, 橋本知幸(日本環境衛生センター); 五十嵐真人, 千保聡(日本防疫殺虫剤協会)]

8. *CYP6BB2* をノックアウトしたネッタイシマカ系統のピレスロイド感受性

これまでの研究で、ネッタイシマカのシトクロム P450 酸化酵素 *CYP6BB2* はピレスロイド剤の一種であるペルメトリンを分解することを明らかにしてきた。CRIPER/Cas9 の技術を用いて抵抗性系統 SP の *CYP6BB2* 遺伝子を 50%ノックアウトしたネッタイシマカについて行った代謝試験では、非ノックアウト遺伝子を有する個体の方がペルメトリンを多く代謝することを明らかにしている。そこで、この混合集団から *CYP6BB2* のノックアウト/非ノックアウトの個体を分離し、それぞれの集団についてペルメトリンで殺虫試験を行った。その結果、1 試験区 20 個体で、ノックアウト集団では死亡率の平均が 89.2% (36 回繰り返し)、非ノックアウト集団では死亡率の平均が 59.8% (26 回繰り返し)であった。以上のことから、SP 系統では *CYP6BB2* 遺伝子が機能を失うことで、僅かながらペルメトリンの感受性が増大することが明らかになった。[高岡安希, 駒形修, 富田隆史, 葛西真治]

9. 横浜市内の一軒家庭において、2010 年の 3 月 16 日から 12 月 15 日にかけて、計 23 回のトラップ設置により捕集したアカイエカ種群蚊について、PCR 法による種判別を行った。チカイエカが占める割合は採集回毎で幅が認められたが、シーズンを通してチカイエカが 50%を超えることはなく、アカイエカが優勢であった。全体では 89.2%がアカイエカで占められており、トラップを設置した地点(屋外)においてはアカイエカが優占種であることが明らかになった。この民家の屋内では 2007 年と 2008 年に 149 個体のアカイエカ種群が捕集され、うち 86%がチカイエカで占められていた。以上のことから、チカイエカはアカイエカに比べて屋内侵入性とヒト親和性が高いことが明らかになった。[高岡安希, 二瓶直子, 駒形修, 富田隆史, 葛西真治]

レファレンス業務

I. 衛生動物同定検査報告

令和 2 年 4 月から令和 3 年 3 月までの間に 5 件の昆虫の同定依頼があった。内訳はハエ症等のハエ類 2 件、ハリアリ等のアリ類 2 件、シロアリが 1 件であった。[林利彦, 比嘉由紀子, 前川芳秀]

研修業務

1) 蚊の生態. 東京都令和 2 年度「感染症を媒介する蚊対策講習会」。2020 年 6 月 16 日, 東京 [澤邊京子]

2) 第 6 回動物由来感染症研修会, 感染症を媒介する節足動物:蚊, 2021 年 1 月, オンライン(オンデマンド形式) [葛西真治]

3) 第 56 回ねずみ衛生害虫駆除技術研修会, 衛生害虫に関する最近の話題, 2021 年 1 月 20 日, オンライン [葛西真治]

発表業績一覧

I. 誌上発表

1. 欧文発表

1) [Amoa-Bosompem M](#), [Kobayashi D](#), Murota K, [Faizah AN](#), Itokawa K, Fujita R, Osei JHN, Agbosu E, Pratt D, Kimura S, Kwofie KD, Ohashi M, Bonney JHK, Dadzie S, [Sasaki T](#), Ohta N, [Isawa H](#), [Sawabe K](#), Iwanaga S. Entomological Assessment of the Status and Risk of Mosquito-borne Arboviral Transmission in Ghana. *Viruses*. 12(2), 147, 2020.

2) [Faizah AN](#), [Kobayashi D](#), [Isawa H](#), [Amoa-Bosompem M](#), Murota K, [Higa Y](#), Futami K, Shimada S, Kim KS, Itokawa K, [Watanabe M](#), [Tsuda Y](#), Minakawa N, Miura K, Hirayama K, [Sawabe K](#). Deciphering the Virome of *Culex vishnui* Subgroup Mosquitoes, the Major Vectors of Japanese Encephalitis, in Japan. *Viruses*, 12(3), 264, 2020.

3) [Amoa-Bosompem M](#), [Kobayashi D](#), Itokawa K, [Faizah AN](#), Kuwata R, Dadzie S, [Hayashi T](#), Yamaoka S, [Sawabe K](#), Iwanaga S, [Isawa H](#). Establishment and characterization of a cell line from Ghanaian *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) focusing on *Aedes*-borne flavivirus susceptibility. *In Vitro Cellular and Developmental Biology – Animal*, 56(9), 792-798, 2020.

4) [Kobayashi D](#), Murota K, Itokawa K, Ejiri H, [Amoa-Bosompem M](#), [Faizah AN](#), [Watanabe M](#), [Maekawa Y](#), [Hayashi T](#), Noda S, Yamauchi T, [Komagata O](#), [Sawabe K](#), [Isawa H](#). RNA virome analysis of questing ticks from Hokuriku District, Japan, and the evolutionary dynamics of tick-borne phleboviruses. *Ticks and Tick-Borne Diseases*, 11(2), 101364, 2020.

5) [Kobayashi D](#), Murota K, [Faizah AN](#), [Amoa-Bosompem M](#),

- Higa Y, Hayashi T, Tsuda Y, Sawabe K, Isawa H. RNA virome analysis of hematophagous *Chironomoidea* flies (Diptera: Ceratopogonidae and Simuliidae) collected in Tokyo, Japan. *Medical Entomology and Zoology*, 71(3), 225-243, 2020.
- 6) Kobayashi D, Faizah AN, Amoa-Bosompem M, Watanabe M, Maekawa Y, Hayashi T, Higa Y, Sawabe K, Isawa H. Analysis of *Trypanosoma* sequences from *Haemaphysalis flava* (Acari: Ixodidae) and *Tabanus rufidens* (Diptera: Tabanidae) collected in Ishikawa, Japan. *Medical Entomology and Zoology*, 71(4), 279-288, 2020.
- 7) Faizah AN, Kobayashi D, Amoa-Bosompem M, Higa Y, Tsuda Y, Itokawa K, Miura K, Hirayama K, Sawabe K, Isawa H. Evaluating the competence of the primary vector, *Culex tritaeniorhynchus*, and the invasive mosquito species, *Aedes japonicus*, in transmitting three Japanese encephalitis virus genotypes. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 14(12), e0008986, 2020.
- 8) Murota K, Suda Y, Shirafuji H, Ishii K, Katagiri Y, Suzuki M, Kobayashi D, Isawa H, Tanaka S, Yanase T. Identification and characterization of a novel orbivirus, Yonaguni orbivirus, isolated from cattle on the westernmost island of Japan. *Archives of Virology*, 165(12), 2903-2908, 2020.
- 9) Supriyono, Kuwata R, Torii S, Shimoda H, Ishijima K, Yonemitsu K, Minami S, Kuroda Y, Tatemoto K, Tran NTB, Takano A, Omatsu T, Mizutani T, Itokawa K, Isawa H, Sawabe K, Takasaki T, Yuliani DM, Abiyoga D, Hadi UK, Setiyono A, Hondo E, Agungpriyono S, Maeda K. Mosquito-borne viruses, insect-specific flaviviruses (family *Flaviviridae*, genus *Flavivirus*), Banna virus (family *Reoviridae*, genus *Seadornavirus*), Bogor virus (unassigned member of family *Permutotetraviridae*), and alphamesoniviruses 2 and 3 (family *Mesoniviridae*, genus *Alphamesonivirus*) isolated from Indonesian mosquitoes. *Journal of Veterinary Medical Science*, 82(7), 1030-1041, 2020.
- 10) Okamoto K, Ferreira RJ, Larsson DSD, Maia FRNC, Isawa H, Sawabe K, Murata K, Hajdu J, Iwasaki K, Kasson PM, Miyazaki N. Acquired Functional Capsid Structures in Metazoan Totivirus-like dsRNA Virus. *Structure*, 28(8), 888-896.e3, 2020.
- 11) Kobayashi D, Komatsu N, Faizah AN, Amoa-Bosompem M, Sawabe K, Isawa H. A novel nyavirus lacking matrix and glycoprotein genes from *Argas japonicus* ticks. *Virus Research*, 292, 198254, 2021.
- 12) Sasaki T, Adachi T, Itoh K, Kubota M, Yamagishi T, Hirao M, Isawa H, Oishi K, Shibayama K, Sawabe K. Detection of *Bartonella quintana* infection among the Homeless Population in Tokyo, Japan, from 2013-2015. *Japanese Journal of Infectious Diseases*, Jan 29, 2021.
- 13) Kobayashi D, Watanabe M, Faizah AN, Amoa-Bosompem M, Higa Y, Tsuda Y, Sawabe K, Isawa H. Discovery of a Novel Flavivirus (*Flaviviridae*) From the Horse Fly, *Tabanus rufidens* (Diptera: Tabanidae): The Possible Coevolutionary Relationships Between the Classical Insect-Specific Flaviviruses and Host Dipteran Insects. *Journal of Medical Entomology*, 58(2), 880-890, 2021.
- 14) Itokawa K, Hu J, Sukehiro N, Tsuda Y, Komagata O, Kasai S, Tomita T, Minakawa N, Sawabe K. Genetic analysis of *Aedes aegypti* captured at two international airports serving to the Greater Tokyo Area during 2012-2015. *PLoS One*, 15(4), e0232192, 2020.
- 15) Sugiura M, Kimoto F, Itokawa K, Kasai S. Novel CONCOMITANT mutations L932F and I936V in the voltage-gated sodium channel and its association with pyrethroid resistance in *Culex quinquefasciatus* (Diptera: Culicidae) (Diptera: Culicidae). *Journal of Medical Entomology*, 58(2), 798-806, 2021.
- 16) Itokawa K, Furutani S, Takaoka A, Maekawa Y, Sawabe K, Komagata O, Tomita T, de Lima Filho JL, Alves LC, Kasai S. A first, naturally occurring substitution at the second pyrethroid receptor of voltage-gated sodium channel of *Aedes aegypti*. *Pest Management Science*, 77(6), 2887-2893, 2021.
- 17) Hayashi T. A new record of the genus *Pseudocollinella* Duda (Diptera, Sphaeroceridae) from Japan. *Medical Entomology and Zoology*, 72, 17-19, 2021
- 18) Maekawa Y, Pemba D, Kumala J, Gowelo S, Higa Y, Futami K, Sawabe K, Tsuda Y. DNA barcoding of

mosquitoes collected through a nationwide survey in 2011 and 2012 in Malawi, Southeast Africa. *Acta Tropica*. 213, 105742, 2020.

19) Hirabayashi K, Nihei N, Kobayashi M, Tsuda Y, Sawabe K. Elevational distribution of the Asian tiger mosquito, *Aedes albopictus*, in the inland mountain area of Nagano and Yamanashi Prefectures, Japan. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 36(1), 1-10, 2020.

20) Kawada H, Futami K, Higa Y, Rai G, Suzuki T, Rai S. K. Distribution and pyrethroid resistance status of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* populations and possible phylogenetic reasons for the recent invasion of *Aedes aegypti* in Nepal. *Parasites & Vectors*, 13, 213, 2020.

21) Futami K., Iwashita H, Higa Y, Lutiali P. A, Sonye G. O, Mwantele C, Njenga S. M, Minakawa N. Geographical distribution of *Aedes aegypti* and *Aedes aegypti formosus* (Diptera: Culicidae) in Kenya and environmental factors related to their relative abundance. *Journal of Medical Entomology*, 57, 772-779, 2020.

2. 和文発表

1) 小林大介, 佐々木年則, 伊澤晴彦. 野外捕集蚊からのヤブカ媒介性ウイルスの検出およびウイルスの国内定着に関する考察. *衛生動物*, 71(2), 85-90, 2020.

2) 葛西真治. はじめに—訓練の背景—, 東京 2020 オリンピック・パラリンピックに向けてのデング熱媒介蚊駆除訓練. *衛生動物*, 71(2), 65-66, 2020.

3) 比嘉由紀子, 前川芳秀, 皆川恵子, 武藤敦彦, 佐々木均, 葛西真治. 「東京 2020 オリ・パラリンピックに向けてのデング熱媒介蚊駆除訓練」蚊密度調査について. *衛生動物*, 71(2), 73-78, 2020.

4) 葛西真治, 宇賀神知則, 清水一郎, 武藤敦彦, 佐々木均, 池田文明, 澤邊京子. 新宿御苑で開催されたデング熱媒介蚊駆除訓練の背景と概要. *衛生動物*, 71(2), 67-71, 2020.

5) 谷川力, 渡邊徹, 元木貢, 清水一郎, 葛西真治. デング熱の国内感染に備えた新宿御苑での殺虫剤散布訓練. *衛生動物*, 71(2), 79-83, 2020.

6) 比嘉由紀子, 前川芳秀, 澤邊京子, 葛西真治. 日本におけるネッタイシマカの分布, 侵入および定着. *病原微生物検出情報*, 41(6), 3-4, 2020.

7) 前川芳秀, 比嘉由紀子, 澤邊京子, 葛西真治. ヒトシマカの分布域拡大について. *病原微生物検出情報*, 41(6), 4-5, 2020.

8) 葛西真治, 澤邊京子. わが国におけるデング熱流行のリスクと媒介蚊対策の備え. *病原微生物検出情報*, 41(6), 12-13, 2020.

9) 澤邊京子. 日本の節足動物媒介感染症対応に関する一連の研究—高病原性鳥インフルエンザとデング熱の国内流行に注目して—. *衛生動物*, 71(1), 1-13, 2020.

10) 山内健生, 渡辺護, 澤邊京子. 石川県におけるマダニ相調査(2013~2014年). *衛生動物*, 71(2), 101-104, 2020.

11) 山内健生, 渡辺護, 澤邊京子. 滋賀県におけるマダニ相調査(2013年). *日本ダニ学会誌*, 29(1), 9-12, 2020.

II. 学会発表

1. 国際学会

1) Astri Nur Faizah, Daisuke Kobayashi, Haruhiko Isawa, Kyoko Sawabe, Michael Amoa-Bosompem, Kozue Miura, Kazuhiro Hirayama. Evaluating the Competency of the Invasive Mosquito Species, *Aedes j. japonicus*, in Transmitting Various Japanese Encephalitis Virus Genotypes, American Society of Tropical Medicine & Hygiene 69th Annual Meeting, 2020年11月15日-19日, Web開催

2. 国内学会

1) Michael Amoa-Bosompem, Daisuke Kobayashi, Katsunori Murota, Astri Nur Faizah, Kentaro Itokawa, Mitsuko Ohashi, Toshinori Sasaki, Haruhiko Isawa, Kyoko Sawabe, Shiroh Iwanaga. Virome analyses of *Aedes aegypti* mosquitoes collected in Ghana and their possible impact on arbovirus transmission. 第72回日本衛生動物学会大会, 2020年4月17日-19日, みなし大会

2) 松村凌, 小林大介, Astri Nur Faizah, 糸山享, 伊澤晴彦.

- 蚊・マダニ由来培養細胞に潜在感染するウイルスの探索と同定. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 3) 伊澤晴彦, 小林大介, 室田勝功, 糸川健太郎, 江尻寛子, Michael Amoa-Bosompem, Astri Nur Faizah, 渡辺護, 前川芳秀, 林利彦, 山内健生, 野田伸一, 駒形修, 澤邊京子. マダニが保有する M 分節欠損フレボウイルスのゲノム解析と進化的位置づけ. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 4) 木村俊也, 鎌田龍星, 南博文, 小林大介, 伊澤晴彦, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 林利彦, 葛西真治, 澤邊京子. SFTS 感染ネコの周辺環境におけるマダニ相および SFTS ウイルス調査. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 5) Astri Nur Faizah, Daisuke Kobayashi, Michael Amoa-Bosompem, Haruhiko Isawa, Yukiko Higa, Kozue Miura, Kazuhiro Hirayama, Kyoko Sawabe. Evaluating the Infection, Dissemination and Transmission Rates of Japanese Encephalitis Virus Genotype I, III, and V by their main vector, *Culex tritaeniorhynchus*. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 6) 佐々木年則, Arlene G Bertuso, 伊澤晴彦, 高崎智彦, 皆川昇, 澤邊京子. ネットアイシマカのデングウイルス感受性関連遺伝子の解析. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 7) 小林大介. 大会シンポジウム ポスト NGS の衛生動物学: 吸血性節足動物の保有する多種多様なウイルスの世界. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 8) 黒木章弘, 糸川健太郎, 駒形修, 澤邊京子, 葛西真治, 野入英世, Sarkar Santana Rani, Shyamal Kumar Paul, 松本芳嗣, 三條場千寿. ネパールにおけるサンショウバエ *Phlebotomus argentipes* のピレスロイド剤抵抗性遺伝子頻度の遷移. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 9) 葛西真治, 宇賀神知則, 比嘉由紀子, 小林大介, 澤邊京子, 清水一郎, 武藤敦彦, 佐々木均, 池田文明. 東京 2020 オリンピック・パラリンピックを見据えたデング熱媒介蚊駆除訓練. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 10) 駒形修, 糸川健太郎, 富田隆史, 葛西真治. トコジラミ変異型アセチルコリンエステラーゼの殺虫剤に対する感受性の比較. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17 日-19 日, みなし大会
- 11) 木村俊也, 鎌田龍星, 南博文, 小林大介, 伊澤晴彦, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 林利彦, 葛西真治, 澤邊京子. SFTS 感染ネコの周辺環境におけるマダニ相および SFTS ウイルス調査. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17-19 日, みなし大会
- 12) 前川芳秀, 三條場千寿, 皆川恵子, 葛西真治, 澤邊京子. 新潟県佐渡島での蚊相調査 (2019). 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17-19 日, みなし大会
- 13) 澤邊京子. 「デング熱の流行: 考え得るシナリオと流行に対する備え」2014 年事例の紹介. 第 72 回日本衛生動物学会大会市民公開講座, 2020 年 4 月 17-19 日, みなし大会
- 14) 岩田基晃, 比嘉由紀子, 葛西真治, 大宮正也, 柿沼進, 戒能洋一, 倉橋弘, 澤邊京子. 日本産ニクバエ亜科の種同定のための DNA バーコード整備. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17-19 日, みなし大会
- 15) 岩田基晃, 比嘉由紀子, 葛西真治, 大宮正也, 柿沼進, 戒能洋一, 倉橋弘, 澤邊京子. 日本産ツシマニクバエ *Parasarcophaga tsushimae* (Diptera: Sarcophagidae) の分子分類学的再検討と隠蔽種について. 第 72 回日本衛生動物学会大会, 2020 年 4 月 17-19 日, みなし大会
- 16) Astri Nur Faizah, Daisuke Kobayashi, Haruhiko Isawa, Yoshihide Maekawa, Michael Amoa-Bosompem, Kris C. Mulyatno, Shifa Fauziyah, Sri Subekti Bendryman, Kozue Miura, Kazuhiro Hirayama, Kyoko Sawabe. Entomological Surveillance and Detection of Japanese Encephalitis Virus GIV in *Culex vishnui* Collected in

Tabanan Regency, Bali, Indonesia. 第 163 回日本獣医学
会学術集会, 2020 年 9 月 8 日-10 日, 山口市(Web 開
催)

- 17) 葛西真治. 気候変動と節足動物媒介感染症. 第 3 回気候
変動適応の研究会, 2020 年 12 月 7 日, オンライン